

## **Sviluppo di un nuovo software per la rapida identificazione di sequenze relative alle Odorant Binding Proteins (OBPs)**

G. Grossi<sup>1</sup>, A. Scala<sup>1</sup>, G. Filippi<sup>1</sup>, P. Pellegrino<sup>1</sup>, C. Scieuzo<sup>1</sup>, M. Nardiello<sup>1</sup>, A. R. Santandrea<sup>1</sup>, S. Laurino<sup>1</sup>, M. Petrone<sup>1</sup>, R. Salvia<sup>1</sup>, G. Mecca<sup>1</sup>, P. Falabella<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Università degli Studi della Basilicata - Dipartimento di Scienze*

Il sistema olfattivo degli Invertebrati, e in particolare degli insetti, ha la capacità di rilevare diversi stimoli chimici di natura idrofobica, presenti nell'ambiente circostante, anche in concentrazioni molto basse, mediante il riconoscimento e il legame con proteine localizzate nella linfa sensillare, note come Odorant Binding Proteins (OBPs). L'identificazione e la caratterizzazione di queste proteine risulta di fondamentale importanza per lo sviluppo di nuove strategie di controllo biologico degli insetti dannosi, basate sulla modulazione dei processi fisiologici alla base della chemiorecezione. Lo sviluppo di un prototipo sperimentale di software per la rapida individuazione di sequenze amminoacidiche relative alle OBPs, non sempre ottenibili mediante semplice studio di omologia data l'elevata variabilità della loro sequenza amminoacidica, rappresenta, quindi, un considerevole supporto. Gi-OBP++ controller è un software che ha la capacità di acquisire un elevato numero di sequenze, sia nucleotidiche che amminoacidiche, e di selezionare quelle relative alle OBPs, sulla base del caratteristico pattern di cisteine presente nella sequenza amminoacidica. In particolare il software identifica il pattern di 6 cisteine, conservate in tutti gli Ordini di insetti, in cui le distanze tra la seconda cisteina (Cys 2) e la terza (Cys 3) è di tre amminoacidi e tra la quinta (Cys 5) e la sesta (Cys 6) è di 8 amminoacidi, ma allo stesso tempo permette di selezionare anche le OBPs "atipiche", ovvero le OBPs che presentano un numero di cisteine maggiore di 6 (Plus-C), e quelle con un numero di cisteine minore di 6 (Minus-C). Per la ricerca rapida di sequenze specifiche, sono stati inseriti anche una serie di filtri che consentono la selezione dell'Ordine di appartenenza dell'insetto di cui si vuole analizzare il trascrittoma, associando ad ogni Ordine il corrispondente pattern specifico. Il software è stato inoltre implementato con una funzione che consente il collegamento diretto al servizio web SignalP per la determinazione della presenza del peptide segnale, elemento comune in tutte le OBPs. GiOBP++ controller presenta, infine, un package "BLAST" che avvia, per ogni sequenza identificata dal software come OBP, la ricerca di similarità sul web server NCBI e ne estrae i risultati. Questo software ad hoc risulta essere anche facilmente aggiornabile, permettendo l'inserimento di stringhe relative a nuovi pattern di interesse per la ricerca di proteine.